



SZÉKFOGLALÓ ELŐADÁSOK A MAGYAR TUDOMÁNYOS AKADÉMIÁN

Heszky László

# A TILTOTT FA GYÜMÖLCSÉTŐL A TRANSZGÉNIKUS ALMÁIG



Terintetes vagy 97  
 leendő székelybirtokosok 32. Ba egy székely  
 székelybirtokosok választott tag, a székelybirtokosok kivétel  
 székelybirtokosok tartozó dolgozat felolvasásával,  
 keményes megem. felolvasás esetén beüldöz  
 legfeljebb egy év alatt székely foglalt; székelyben m  
 székely megem. székelyben.  
 székelybirtokosok, melyekben kivált székely  
 székelybirtokosok megtartani: de ha  
 székelybirtokosok, am

Legfeljebb egy év alatt szerezhető meg a megzen miséjében.  
Lehetett esetek, melyekben hívált vidéken la-  
gátoltatnak a határidőt megtartani: de hallga-  
elvéni a szabály meg nem tartatását, amellyel  
mint összes szabályzatunkat erőltetnek terintem  
következésképpen figyelmeztetnem a T. Aradon  
szükségtelen.

mint összes száma  
következzen éjjele figyelemre méltó  
szükségleten.  
Indoklásnyba hozatik tehát, hogy egyelőre az  
1861. <sup>rends.</sup> 97. választott s szerfoglalás által meg nem  
tett <sup>rendes</sup> tagok nevei a névanyagból kitöröltesse, az 1861-  
és 1862. évig választottak a pályára emelhetessék, jö-  
vőre pedig a titkár hivatatal oda utasíthatók, hogy  
evidenciában tartás végett az újban választottakat,  
míg szét nem foglalták, a sorozatba fel ne vegye."

Pigmond

l, jan. 26. 1865.

Bullay's Moir  
Loyalty  
Hollan Emory

853  
1865

13 Kensington  
Montclair, N.J.  
Johannes  
r. tag  
Johannes  
Gengenbach

Heszky László

A TILTOTT FA GYÜMÖLCSÉTŐL  
A TRANSZGÉNIKUS ALMÁIG

SZÉKFOGLALÓK  
A MAGYAR TUDOMÁNYOS AKADÉMIAÁN

A 2004. május 3-án megválasztott  
akadémikusok székfoglalói

Heszky László

A TILTOTT FA GYÜMÖLCSÉTŐL  
A TRANSZGÉNIKUS ALMÁIG



Magyar Tudományos Akadémia • 2014

Az előadás elhangzott 2004. november 24-én

Sorozatszerkesztő: Bertók Krisztina

Olvasószerkesztő: Laczkó Krisztina

Borító és tipográfia: Auri Grafika

ISSN 1419-8959

ISBN 978-963-508-756-3

© Heszky László

Kiadja a Magyar Tudományos Akadémia  
Kiadásért felel: Lovász László, az MTA elnöke  
Felelős szerkesztő: Kindert Judit  
Nyomdai munkálatok: Kódex Könyvgyártó Kft.

*„A felszínes tudomány eltávolít az Istentől,  
az elmélyült tudomány visszavezet hozzá”*

Louis Pasteur

A molekuláris genetikával, különösen a géntechnológiával foglalkozó kutatókat gyakran éri az a vád, hogy „Teremtőt játszanak”. Ez történt akkor is, amikor a *Science*-ben (1986, 234, 856–859) beszámoltak a világító dohánynövényről, amelyben a szentjánosbogár egyik génje működött. Tudományos szempontból végül is nem történt más, mint a kutatók megismerve azt a biológiai folyamatot, amely a bogár sejtjeiben lejátszódik, és azt a kulcsenzimet, amely a biolumineszcenciát okozza, egy gén (luciferáz) átültetésével erre a dohánynövény sejtjeit is alkalmassá tették. A transzgénikus növény sejtjeiben termelődő luciferáz képes volt létrehozni a fényreakciót abban az esetben, amikor a transzgénikus növényt az enzim szubsztrátja és ATP oldatába helyezték.

Előadásom első felében azt szeretném bebizonyítani, hogy a kutatók nem Teremtőt játszanak, hanem céljuk a Teremtő titkainak megismerése és az elért új ismeretek alkalmazása. Második felében a levelező tagság elérése óta a molekuláris növénynevelési kutatásainkban elért – nemzetközi szempontból is figyelemre méltó – eredményeket foglalom össze.

# A FÖLDI ÉLET „TITKÁNAK” MEGFEJTÉSE

Mi is történt valójában a Teremtéskor?

(A Paradicsomban történtek értelmezése a tudomány szempontjából)

Az Isten maga képmására teremtette az embert (Teremtés 1.26), de megtiltotta számára, hogy a jó és a rossz tudás fájáról egyen (Teremtés 2.17). A Biblia szerint tehát az ember szabad akaratot, a beszéd képességét, teljes értékű tudatot és halandó testet kapott a Teremtőtől, a Teremtő azonban nem adta át tudását, és nem ruházta fel a racionális gondolkodás képességével.

A kígyó tudta, hogy az emberpár isteni képességekre fog szert tenni, ha megszegi a parancsot (Teremtés 3.5), amely a bűnbeeséssel be is következett. Ezt követően az ember öntudatra ébredt, megkülönböztette magát az állatoktól, rájött, hogy meztelen, hogy rosszat tett, azaz cselekedetei tudatosává váltak. Megjelent az érdek felismerésének a képessége, és ez a mai értelemben a tudás megszerzésének a képességét is jelentette, és későbbi fejlődésének mozgatórugója lett. A Biblia szerint tehát a tiltott fa gyümölcseének elfogyasztása tette lehetővé az ember számára az öntudatra ébredést, a racionális gondolkodáson keresztül pedig annak a képességnek a megszerzését, hogy a Teremtő tudását megismerje, és a teremtett világ titkait megfejtse.

A Teremtő beismerte, hogy az ember megszerezte azt a képességet, hogy valamikor olyan tudásra tegyen szert, amellyel ő rendelkezik, amikor azt mondta: „Lám az ember olyan lett mint egy közülünk, ismer jót és rosszat” (Teremtés 3.22). A tudás megszerzésében azonban az Isten már nem segítette az embert, hanem kitiltotta a Paradicsomból. A Teremtő pontosan tudta, hogy az ember – ha óriási szenvedések árán is, de – életben fog maradni, és szaporodni fog a Földön, mert megszerzett képességei erre lehetőséget adnak.



## Az élet információja megismeréséhez vezető út

**Kr. e. > 10000.** A Paradicsomból való kiűzetés idején azonban jégkorszak volt a Földön, és ezt a Teremtő is tudta, mert a Biblia szerint: „Az Isten pedig bőrből ruhát készített az embernek és feleségének s felöltöztette őket” (Teremtés 3,21), tehát gondoskodott róluk.

Induljunk el mi is azon az úton, amely a Paradicsom kapujában kezdődött, és elvezetett a földi élet „titkának” megfejtéséhez. Szenvedésekkel teli időszakok lehettek az első évezredek, amelyet az ember a jégkorszak végéig (Kr. e. 12 ezer év) sikerrel átvészelt. E kezdeti időben az emberi populáció vándorló, gyűjtögető és vadászó életmódot folytatott, abból élt, amit a természet felkínált, célja nem lehetett más, mint a túlélés.

**Kr. e. 10000–5000.** Körülbelül Kr. e. 10 ezer évtől kezdődött a letelepedés és a földművelés, amely óriási előrelépés volt, hiszen azt jelentette, hogy az ember egy helyben élve is el tudja látni magát. Kr. e. 10–5 ezer között a letelepedett emberiség öntözéses földműveléssel és állattenyésztéssel már annyi élelmet volt képes termelni, amely lehetővé tette, hogy mások igényeit is ki tudja elégíteni, akik így felszabadultak az élelmentermelés feladata alól. Az egyes közösségekben megindulhatott a munkamegosztás (fizikai/szellemi), megjelentek a különböző szakmák és mesterségek, és ez a folyamat végül a civilizációk kialakulásához vezetett. Az ember tehát megteremtette maga számára a Teremtő tudása és a földi élet lényege megismerésének a lehetőségét. A kérdés az, hogy abban az időben képes volt-e élni ezzel a lehetőséggel?

**Kr. e. 5000 – Kr. u. 1700.** Kr. e. 5000. – Kr. u. 18. század között az emberek csodálatos civilizációkat, birodalmakat és kultúrákat teremtettek (sumer, akkád, babiloni, asszír, perzsa, egyiptomi, tolték, azték, maja, inka, Sárga-, Jangce-, Indus-folyó-völgyi stb.). A földi élet lényegét érintő kérdésekkel azonban nem foglalkoztak, azokat az istenek és a mítoszok világába helyez-

ték. Az emberek nem értették a természeti jelenségeket, ezért azzal kapcsolatos félelmeiket, szorongásaikat földön túli erőkkel, istenekkel és különböző mítoszrendszerekkel kívánták feloldani. Az ókori népek mitológiájában az istenek száma több száz vagy több ezer is lehetett. Az élettelen természettel kapcsolatos ismereteik (csillagászat, matematika, időszámítás, fizika stb.) viszont napjainkban is elismerést, azokra alapozott alkotások pedig csodálatot váltanak ki.

Az első természetfilozófiai kérdéseket a görög (Kr. e. 4. évezred – Kr. e. 66) és római (Kr. e. 8. század – Kr. u. 4. század) birodalmak gondolkodói (orvos filozófusok) vetették fel. Elsőként Hippokratész (Kr. e. 460–377) említi a nemzéssel és az utódok tulajdonságaival kapcsolatban, hogy abban mindkét szülő valamilyen „materiális anyagának” is részt kell vennie. Arisztotelész (Kr. e. 384–322) szerint a nőnem adja az anyagot, a hímnem pedig a mozgást. Szerinte a természeti létezőknek lelkük van; a növényeknek vegetatív, az állatoknak érző, az embernek pedig értelmes lelke. A római Lucretius (Kr. e. 97–55) ezt azzal egészítette ki, hogy az utódok tulajdonságaiban a nagyszülők hatása is kimutatható. Az ezt követő évszázadokban szinte semmi érdemi előrelépés sem történt, kivéve a nemzés folyamatára felállított elméleteket.

**Kr. u. 1700–1900.** A földi élet lényegének megismerésében az igazi előrehaladás Kr. u. 18–19. században következett be Európában, amelynek kultúrája részben az Angliában virágzó neolit kultúrában (Kr. e. 3200–1500) gyökerezve, a görög civilizációból táplálkozva és a Római Birodalom jogrendszerére alapozva ideális környezetet teremtett a természettel foglalkozó tudós emberek számára. Az emberiséget körülvevő élővilág pazar változatosságában és sokféleségében egy svéd botanikus, Linné (1707–1778) teremtett rendet. Az általa felállított *binominális nomenklatúra* felhasználásával lehetővé vált először a növényvilág (1753), majd az állatvilág (1758) egységes rendszerezése. A legfontosabb kultúrnövényeink (búza, kukorica, burgonya, bab, rozs, rizs, árpa stb.) latin elnevezése és besorolása napjainkban is Linné meghatározását

követi. A rendszerezett élővilág egyes csoportjai átmeneteket mutattak a rendszertani egységek között, amelyekből az élővilág bizonyos fejlődési folyamataira lehetett következtetni. Linné azonban az esszencializmus híve volt, és a fajok állandóságát hirdette. Ezért egy másik szintetizáló elmére volt szükség, aki rájöjjön és leírja a földi élővilág fejlődését, és arra megfelelő magyarázatot is adjon. Ez a tudós az angol Darwin (1809–1882) volt, aki a *Fajok eredete* című művében (1859) foglalta össze az evolúcióval kapcsolatos tanait.

Az a tény, hogy az élővilág fajai folyamatosan változnak, és a fajon belül is nagy a változatosság, tehát az egyedek eltérnek egymástól, ezen belül az utódok el is térnek, meg nem is a szülőktől stb. felvetették annak a „valaminek” a létezését, amellyel az átöröklés folyamatai magyarázhatók. Erre a problémára már Darwin (az MTA külső tagja) is megpróbált elméletet felállítani (gemma-lák, pangenezis), de azt később cáfolták (pl. Galton).

Az öröklődéssel kapcsolatos első szintáttörést jelentő felfedezés az osztrák Mendel (1822–1884) – Brünnben tanító Ágoston-rendi szerzetes – nevéhez fűződik, aki kétséget kizáróan bebizonyította, hogy ez a „valami” létezik. Mendel megállapította, hogy ez az anyag partikuláris természetű (mendeli faktorok), és felállította az átöröklés törvényeit, amelyek megalapozták a Kr. u. 20. században kiteljesedő klasszikus (mendeli) genetikát.

## Az élet információjának megfejtése

**Kr. u. 1900–2000.** A 20. században az élettudományok fejlődése rendkívüli mértékben felgyorsult. Először az amerikai Morgan (Nobel-díj, 1933) számolt be arról, hogy a mendeli faktorok (gének) a sejtmagban a kromoszómákon helyezkednek el, majd az amerikai Avery bizonyította, hogy az átöröklés egységei, a gének nukleinsavból állnak. A nukleinsav (DNS) szerkezetét elsőnek két angol kutató, Watson és Crick (Nobel-díj, 1962) közölte a *Nature* című lapban 1953-ban (171, 737–738). Tehát a földi élet információját hordozó molekula

a DNS. Arra a kérdésre azonban, hogy milyen módon képes az információ tárolására, Nirenberg és Khorana (Nobel-díj, 1968) adták meg a választ a genetikai kód megfejtésével. Nem kellett sokáig várni a válaszra arra a kérdésre sem, hogyan működnek a DNS génei. A válasz a francia Jacob és Monod (Nobel-díj, 1965) operonmodellje volt. Végeredményben a hatvanas évek végére a tudósok pontosan tudták, hogy az élet információját hordozó molekulának milyen a szerkezete, milyen elvek alapján tárolja az információt, az egységeinek, a géneknek hogyan történik a szabályozása. Maga a molekula, ez a rendkívül hosszú lineáris polimer, megismerése teljes hosszúságában azonban még hiányzott. A Gilbert és Sanger (Nobel-díj, 1980) által kidolgozott módszerek, a molekuláris klónozás és szekvenálás pótolta a hiányzó láncszemet. Ezt követően indultak a genomprogramok, azaz a különböző fajok genomjában lévő DNS-nukleotid (bázis-) sorrendjének meghatározása szekvenálással (strukturális genomanalízis). A humán genomprogram, tehát az emberi genom 3 milliárd bázispárból álló DNS-bázisszekvenciájának megfejtése 2003-ban fejeződött be. A magasabb rendű növények közül számos kultúrnövény (kukorica, búza, árpa, cirok, lucerna, nyár, szőlő stb.) genomanalízise is elkezdődött, napjainkig azonban a lúdfű (*Arabidopsis thaliana*) és a rizs (*Oryza sativa*) fejeződött be.

Az élet információjának teljes megfejtését célzó nemzetközi genomprojektek mellett azonban lehetővé vált az információt hordozó DNS molekuláris módosítása is. A gyakorlati lehetőséget Smith és Nathans (Nobel-díj, 1978) által felfedezett restrikciós endonukleáenzimek adták, amelyekkel, mint az ollóval, lehet „szabni (vágni)” a DNS-t. Ezt az eredményt felhasználva állította elő Berg (Nobel-díj, 1980) a földön az első ember által módosított (rekombináns) DNS-molekulát, megnyitva az utat az emberiség előtt a földi élet információját hordozó molekula, a nukleinsav (RNS, DNS) mesterséges módosításának. Ez vezetett el a géntechnológiához, amelynek egyik látványos eredményével, a világító dohánynövényen kezdtem előadásomat. Miután Mullis (Nobel-díj, 1993) felfedezte a polimeráz-láncreakciót, lehetővé vált a molekuláris genetikai

és biológiai módszerek széles körű felhasználása, többek között a kultúrnövények genetikai és nemesítési kutatásaiban is.

## Az élet információja ismeretének a felhasználása

**Kr. u. 3. évezred.** Kr. u. 18–20. század között az emberiség többet tudott meg a Teremtő tudásáról és a földi élet lényegéről, mint a megelőző évezredek alatt. Létrehozta a tudományt, amely a természet, a társadalom és a gondolkodás objektív összefüggéseiből szerzett, igazolható ismeretek rendszere. A tudományos kutatás napjainkban eszköz az emberiség kezében, hogy a Teremtő titkait megfejtse, a teremtett világ működését megismerje, és tudását az emberiség fejlődésének a szolgálatába állítsa. Az emberi társadalom további fejlődésének alapja a tudomány és az azt szolgáló kutatás. Kr. u. 3. évezred elején a tudásalapú társadalom motorjait az élettudományok közül az élet titkával kapcsolatos ismereteinket bővítő alapkutatások (pl. genomika, proteomika, metabolomika stb.), valamint az eredményeket az emberiség szolgálatába állító alkalmazott tudományok (pl. biotechnológia, géntechnológia stb.) és az innovatív fejlesztések jelentik.



1. ábra. Watson professzorral a kettős helix felfedezésének 50 éves évfordulóján  
(DNA Day, World Life Science Forum Lyon, 2003)

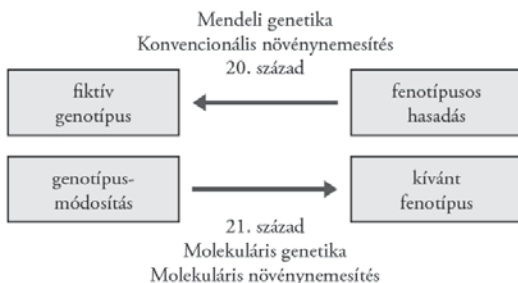
Tökéletesen igaza van James D. Watsonnak (Nobel-díj, 1962) (1. ábra), amikor a *DNA: the secret of life* (New York, 2003, magyar kiadás Budapest, 2004) című könyvének bevezetésében leszögezi: „Meg kell tanulnunk együtt élni a DNS-ről szerzett tudásunkkal.”

## EREDMÉNYEK (1998-TÓL)

### Lehetőségeink és céljaink

Az első emberpár bűnbeesését követően együtt léptünk ki a Paradicsom kapuján, és végigjárva több mint 30 ezer évet, visszaérkeztünk a mába, de már azzal a tudással felfegyverkezve, hogy ismerjük a földi élet információját (titkát, lényegét) hordozó molekulát, és képessé váltunk annak módosítására. Ez lehetőséget ad arra, hogy a kultúrnövények genetikai programját is megismerjük, és azt a fogyasztó igényeinek megfelelően tudatosan megváltoztassuk.

Az új molekuláris módszerek és megközelítések paradigmaváltást tesznek szükségessé az alkalmazott növénytudományokban, különösen a növénynemesítésben (2. ábra). A 20. század nemesítője a fenotípusból indult ki, és a tulajdonságok hasadásából próbált következtetni egy fiktív genotípusra. A 21. század nemesítője ezzel szemben a genotípusból indul ki, és annak célirányos módosításával éri el a kívánt fenotípust. Ez a megközelítés teszi racionális tudomány-



2. ábra. A paradigmaváltás lényege a növénynemesítésben a 21. század elején

nyá a növénynemesítést a 3. évezred küszöbén. Várhatóan a molekuláris és biotechnológiai módszereket alkalmazó növénynemesítés lesz az a tudomány a jövőben, amely képes a 21. század globális kihívásainak megfelelni.

A paradigmaváltásból következően, a levelező taggá választásomat (1998) követő időszakban, az általam vezetett Szent István Egyetem Mezőgazdaság- és Környezettudományi Karának Genetika és Növénynemesítés Tanszéke és az MTA–SZIE Molekuláris Növénynemesítési Kutatócsoportja, valamint a SZIE Növénytudományi Doktori Iskola Növénygenetika és biotechnológia című PhD-programja kutatásainak legfontosabb célja a jelenlegi csúcstechnológiákat jelentő molekuláris növénynemesítés (1) és a transzgénikus növénynemesítés (2) módszertanának fejlesztése, valamint gyakorlati célú hazai alkalmazásának az elősegítése volt. Ezt a célt szolgálták társszerzőkkel írt könyveim is a biotechnológiáról és a géntechnológiáról [8, 9, 23].

Az alábbiakban a levelező tagság odaítélését követő időszakban végzett kutatások eredményeit mutatom be:

1. *Molekuláris növénynemesítés* (molekuláris polimorfizmus, molekuláris markerezés, molekuláris ujjlenyomat, archeogenetika, molekuláris taxonómia és genomanalízis).
2. *Transzgénikus növénynemesítés* (molekuláris transzformáció, transzge-nezis és fitoremediáció).
3. *A növénybiotechnológus és a molekuláris növénynemesítő képzés* indítása hazánkban.

## Rövidítések

ACC: 1-aminociklopropán-1-karboxilsav; AFL: automata lézer-fluorométer; AFLP: Amplified Fragment Length Polymorphism; AP-PCR: Arbitrarily Primed PCR; BLAST: Basic Local Alignment Search Tool; CaMV: Cauliflower

Mosaic Virus; CAPS: Cleaved Amplified Polymorphic Sequences; cDNS: kópia vagy komplementer DNS; cDNS-AFLP: RNA Fingerprinting Based AFLP; CTR: Constitutive Triple Response; DH: Doubled Haploid; DNS/DNA: dezoxiribonukleinsav; DUS: megkülönböztethetőség (distinction), egyöntetűség (homogeneity) és stabilitás (stability); ECS: gamma-glutamil-cisztein-szintáz; ISSR: Inter Simple Sequence Repeat; ITS: Internal Transcribed Site; MADC: Male-associated DNA from *Cannabis sativa*; MdACS2: alma ACC-szintáz-enzim cDNS; mtDNS-e: mitokondrium-DNS; OTKA: Országos Tudományos Kutatási Alap; PCR: Polymerase Chain Reaction; RAPD: Random amplified polymorphic DNA; rDNS: riboszóma-RNS-t kódoló DNS; RFLP: Restriction Fragment Length Polymorphism; RING: Really Interesting New Gene, RNS/RNA: ribonukleinsav; RT-PCR: Reverse Transcriptase PCR; SCAR: Sequence Characterized Amplified Region; SNP: Single Nucleotide Polymorphism; SSR: Simple Sequence Repeat; STS: Sequence Tagged Sites; SZIE: Szent István Egyetem; TAIL-PCR: Thermal Asymmetric Ligation PCR; TDF: Transcript Derived Fragment; TG: Royal Gála almafajta transzgenikus vonala.

## I. MOLEKULÁRIS NÖVÉNYNEMESÍTÉS

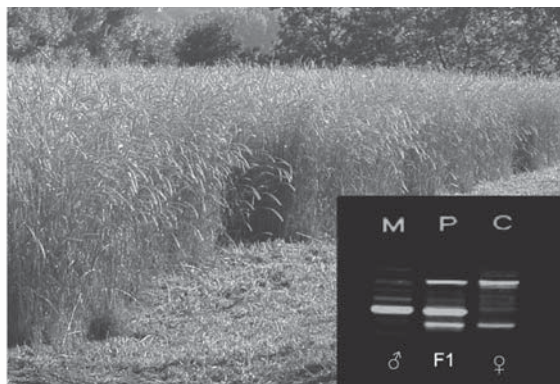
### Molekuláris polimorfizmus

**I.1.** Az androgenetikus eredetű doubled haploid (DH) vonalak nemesítési értékét a genetikai homozigotáságuk adja. A pollenhaploid növényekből előállított DH-növények a legtöbb faj esetében beltenyésztéses leromlást mutatnak. A DH-búzafajták, valamint a hagyományos módszerekkel előállított fajták a szántóföldi kisparscellás kísérletekben hasonló teljesítményt és alkalmazkodóképességet mutattak. Célunk ezért e meglepő jelenség molekuláris hátterének a feltárása volt. A molekuláris okokat keresve, RAPD-, SSR-, STS- és AFLP-analízissel bizonyítottuk, hogy a hagyományos, illetve a DH-módszerrel előállított fajták között nincs szignifikáns különbség a molekuláris polimorfizmus mértékében. Eredményeinkből arra a meglepő következtetésre jutottunk, hogy



a hagyományos fajták is legalább annyira homozigótáknak tekinthetők, mint a DH-fajták. A hagyományos és DH-fajták hasonló adaptabilitása a populáción belüli epigenetikai (génregulációs) és nem originális genetikai variabilitásra vezethető vissza [52, 55].

**1.2.** Az 1960-as években tanszékünkön új szárazságtűrő kultúrnövényt állítottak elő, amelyet élőlő rozsnak neveztek el. Célunk a 90-es évek végén államilag minősített Perenne fajtánk hibrid eredetének bizonyítása volt, az ismert szülőfajok összehasonlító genomelmzésével. RAPD- és SSR-módszerekkel bizonyítottuk a fajta hibrid eredetét (*S. cereale* × *S. montanum*; 3. ábra). Jelenleg térképezett markerekkel azonosítjuk a hibrid genomjában az egyes rozskromoszómákat, illetve fragmentumokat [10, 42].



3. ábra. A Perenne élőlő rozsfajta és szülőfajainak molekuláris azonosítása, a szülőfajok ♂ *Secale montanum* (M), ♀ *Secale cereale* (C), valamint a fajhibrid Perenne (P), DNS pooljainak OPA 04 primerrel kapott RAPD-mintázata alapján

**1.3.** Nyárfajok és -klónok RAPD- és AP-PCR-analízisének célja a molekuláris polimorfizmus és a genetikai távolság meghatározása volt 19 államilag elismert hazai nyárgenotípus esetében. A számítógépes analízissel kapott

dendrogram, illetve MDS-analízissel készített kétdimenziós ábra alkalmas volt a *Populus sp.* klónok közötti genetikai távolságok meghatározására, amelyeket utólag nemzetközi laboratóriumok eredményei is megerősítettek [41, 53].

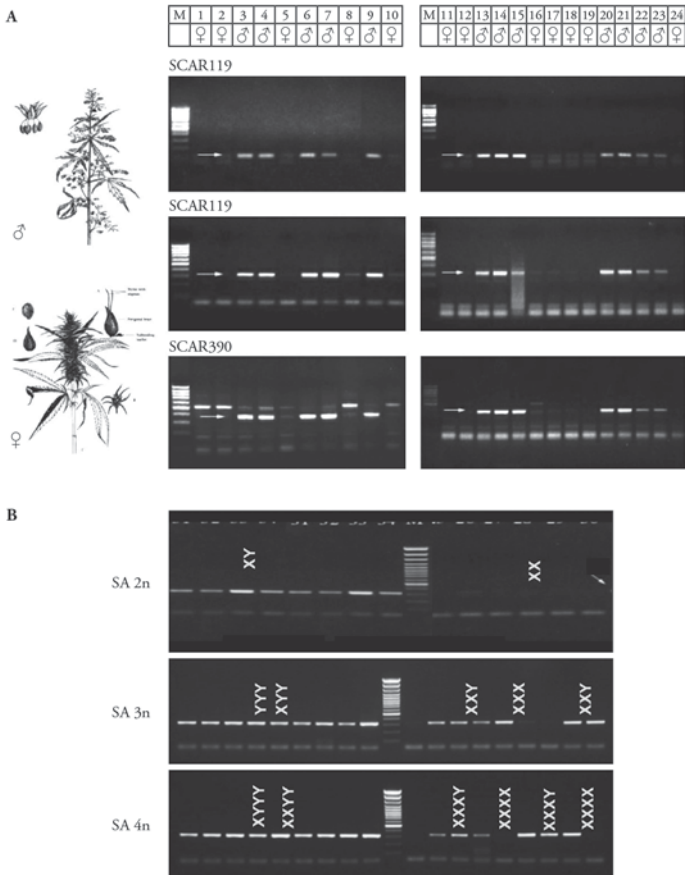
## Molekuláris markerezés

A kender kétlaki növény, és a különböző ivarú egyedek csak a virágzás stádiumában, de akkor is csak speciális ismeretek és tapasztalat alapján különíthetők el. Célunk olyan ivarhoz kapcsolt molekuláris markerek keresése és azonosítása volt, amelyekkel az egyes növények ivara a fejlődés bármelyik stádiumában, a növény bármely részéből meghatározható.

A kenderfajtákban RAPD-technikával ivarspecifikus molekuláris markereket azonosítottunk, amelyekből, szekvenálást követően, SCAR-markereket állítottunk elő. A hímivarhoz kapcsolt markereink (MADC<sub>5</sub>, MADC<sub>6</sub>) sikerrel alkalmazhatók diploid fajtákban és populációkban (*4/a ábra*). A hímivarhoz szorosan kapcsolt molekuláris markerek segítségével a hím- és nőegedek bármelyik fejlődési stádiumban megkülönböztethetők, és velük a korai szelekció is biztonságosan elvégezhető. Bizonyítottuk továbbá a markerek kapcsoltságát az Y-kromoszómához különböző ploidisztű populációkban (*4/b ábra*) [47, 50, 51, 54].

## Molekuláris ujjlenyomat

A növényfajták (klónok) állami elismerésének és szabadalmaztatásának egyik fontos kritériuma a fajták megkülönböztethetősége a köztermesztésben lévő többi fajtától. Napjainkban ezeket a vizsgálatokat (DUS-vizsgálatok) morfológiai bélyegek alapján végzik az egész világon. Célunk olyan molekuláris markerek keresése és azonosítása volt, amelyek alkalmasak az alma és a szőlő nagyszámú fajtájának, illetve klónjának egyedi azonosítására és más fajtáktól való megbízható megkülönböztetésére.

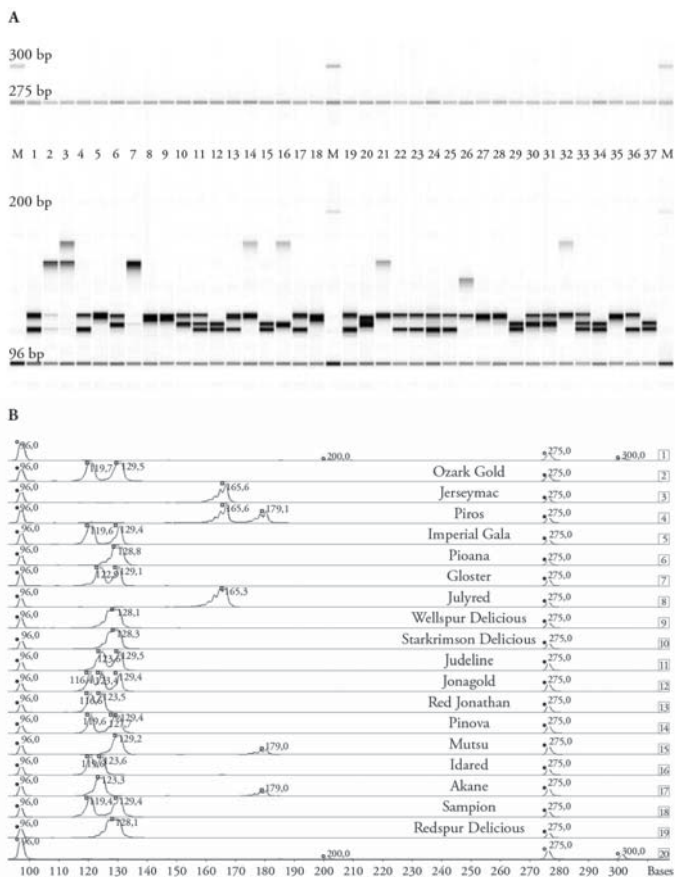


4. ábra. Ivarspecifikus markerek azonosítása a kétlaki kenderben (*Cannabis sativa* L.)

4/a ábra. Hím- és nőgyedek azonosítása az ivarhoz kapcsolt molekuláris (SCAR) markerekkel. Mind a három SCAR- (119, 323, 390) markerrel a hímgyedek speciális fragmenttel jellemezhetők

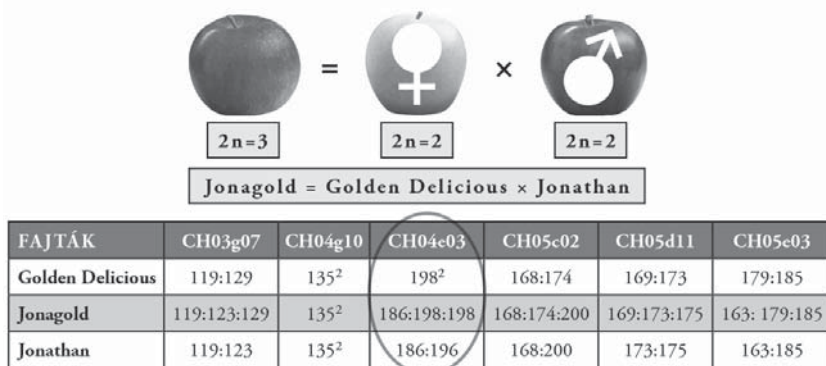
4/b ábra. Ivarspecifikus markerek ploidfüggőségének bizonyítása kenderben (SCAR323 markerrel). A különböző ploidszintű egyedekben az ivari kromoszómák megoszlása eltérő. A speciális fragmentum minden Y-kromoszómát tartalmazó egyedben megjelenik. Ezek közül azonban fenotípusukat tekintve nőivarúak a triploidoknál az XXY, a tetraploidok esetében az XXXY genotípusú egyedek

3.1. A Magyarországon köztermesztésben szereplő 65 almafajta molekuláris elkülönítését hat mikroszatellit-marker felhasználásával végeztük el, amelyek közül már négy marker is alkalmasnak bizonyult 41 fajta és hat genotípuscsoport egyértelmű elkülönítésére (5. ábra). Az allélméretük alapján



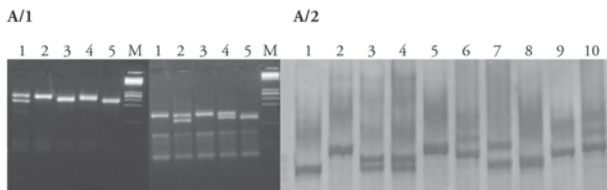
5. ábra. Különböző almafajták SSR-mintázata a CH03g07 primerpárral felszorítva. Az a) ábrán látható a mikroszatellitmintázat virtuális gélképe, amely bekeretezett első felének lézerfluorométeres allélmintázatát mutatja a b) ábra. Az egyes allélméretet egy bázispárponosszággal leolvashatók. A triploid fajták (pl. Jonagold) esetében hármas allélmintázat figyelhető meg. M jelzésű zsebek külső standardokat tartalmaznak

egymástól nem megkülönböztethető genotípusok egy-egy fajtakörbe tartozó fajták voltak, amelyek az alapfajta rügymutációinak tekinthetők. Az általunk kidolgozott módszer lehetővé teszi az almanemesítési programokban, a nemzeti és EU-fajtakísérletekben a fajták és származékaik minden kétséget kizáró azonosítását (6. ábra) [11, 13].



6. ábra. Az automata lézerfluorométerrel kapott allélmintázatok és allélméretek felhasználása a hibridviszonyok nyomon követésére, a szülői partnerek azonosítására és a megporzás irányának a meghatározására. Ezt bizonyítják az ábrán látható „Jonagold” hibridfajta vizsgálatának az eredményei is, ahol a szülők allélmintázatai és allélméretei a hibridben összeadódnak. A CH04e03-mas marker alapján (bekarikázva) lehetőség van továbbá annak bizonyítására is, hogy a „Jonagold” fajta kialakításában a „Jonathan” volt a pollenadó, mivel a hibridben csak a 186 bp méretű allél mutatatható ki

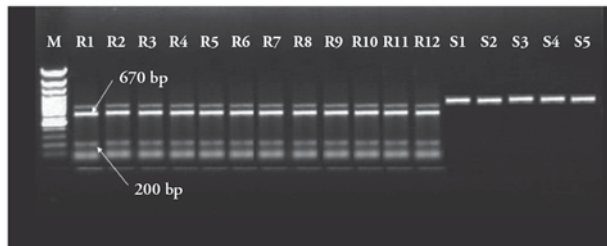
**3.2. A Kárpát-medencei szőlőgyűjtemény (104 genotípus) és 4 nemzetközi fajta molekuláris összehasonlító vizsgálatát (7. ábra) két mikroszatellit-primerpárral végeztük (7/a ábra).** A kapott fragmentumok allélméreteit vizsgálva 95 esetben kaptunk egyedi mikroszatellit-ujjlenyomatot, amelynek során nemzetközi viszonylatban is új allélméreteket határoztunk meg. A hat primerrel minden vizsgált genotípusra egyedi allélmintázatokot kaptunk, amelyek alapján a vizsgált 108 fajta molekulárisan elkülöníthető volt (7/b ábra). A módszert sikerrel alkalmaztuk a fajták pedigréjének meghatározására is.



B

FAJTA	SSR allélméreték (bp)					
	Scu08vv	Scu10vv	VVMD21	VVMD36	VZAG64	VZAG79
Bálint	185-192	208-214	250-259	264-276	141-145	252-252
Bánáti rizling	185-185	208-211	250-257	254-288	161-161	254-262
Beregi	185-185	208-214	244-250	254-288	139-145	254-262
Betyárszőlő	185-185	202-214	250-257	264-266	139-165	262-262
Bihari	185-185	202-205	250-250	264-264	161-161	250-262
Bogdányi dinka	185-185	214-214	244-250	264-266	139-145	254-262

C



7. ábra. Szőlőfajták és genotípusok molekuláris jellemzése, markerezése

7/a ábra. Különböző szőlőfajták polimorfizmusa SSR-markerekkel agarózgélén (A/1) és poliakrilamid gélen (A/2)

7/b ábra. A poliakrilamid gélen futtatott és ALF-expresszel (automata lézerfluorométer) készülékkel meghatározott SSR-allélméreték polimorfizmusa alkalmas a vizsgált 108 fajta megkülönböztetésére.

Az ábrán 6 fajta molekuláris ujjlenyomata látható

7/c ábra. Lisztharmatrezisztens és -fogékony szőlőgenotípusok elkülönítése CAPS-markerekkel. Rezisztens genotípusokban (R1–R12) – a fogékony genotípusoktól (S1–S5) eltérően – az enzimes hasítás 670 bp és 200 bp hosszúságú fragmentumokat eredményez

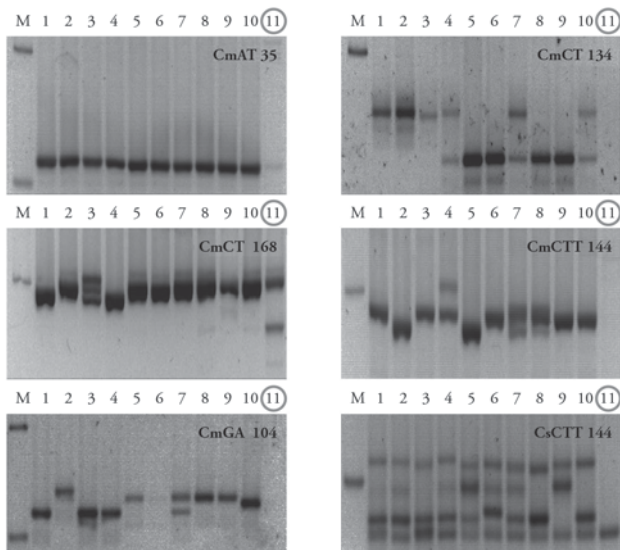
A Csabagyöngye eredetének vizsgálata során eredményeink egyaránt kizárták a három forrásból kapott Bronnerstraube-minták, illetve az Ottonel muskotályfajta szülői voltát, míg a kontrollként bevont Irsai Olivér és Mátrai muskotály esetén az adatok alátámasztották a szülő-utód viszonyokat. Az általunk kidolgozott módszer lehetővé teszi a szőlőnemesítési programokban, a nemzet- és EU-fajtakísérletekben a fajták és a klónok minden kétséget kizáró azonosítását, pedigréjük ellenőrzését [21, 22, 37, 43, 44, 56].

## Archeogenetika

A középkori ásatások során (15. sz. budai vár) feltárt – élő sejteket sajnos már nem tartalmazó – sárgadinnye- és kölesmagvak, valamint a jelenleg természetesen fajtáik (47 sárgadinnye-, 20 kölesfajta) DNS-mintáinak összehasonlító molekuláris elemzését azzal a céllal végeztük, hogy a feltárt magminták DNS-éről (genotípusáról) kapott adatok birtokában a középkori sárgadinnye és köles fenotípusa utólag leírható legyen.

**4.1.** A köles (*P. miliaceum*) 15. századból származó mintájának és a 20 köztermesztésben lévő fajtájának részletes molekuláris elemzése magába foglalta az *AFLP* (158 *AFLP* fragmentum izolálása, 21 reamplifikált, 8 klónozott, ebből 2 BLAST-analízissel igazolt), az *SSR* (6 lokusz elemzése, 4 lokusz azonosítása [*gln4*, *sh1*, *rps28* and *rps15*], négy allélszekvencia elemzése és SNPs-meghatározása), valamint az *organelláris mtDNS* (11 lokuszon, 1 lokusz azonosítása [18S-5S-rDNS], szekvencia meghatározása és BLAST-analízise restrikciós emésztést [*TaqI*, *BsuRI*, *HinfI*, *MboI*, *AluI* és *RsaI*] követően RFLP-PCR), az *ISSR* (6 primerrel és kombinációival [9 fragmentum], a fragmentumok szekvenciaelemzése) és a *RAPD* (60 primer segítségével, 144 archeofragmentum) megközelítéseket, továbbá morfológiai (24 fenotípusos tulajdonság) vizsgálatát. A kapott eredmények összehasonlító értékelése alapján a 15. századi köles legközelebbi rokonának az „Omszkoje” orosz fajta bizonyult. Valószínűsíthető, hogy fenotípusa is az orosz fajtához állt a legközelebb [45].

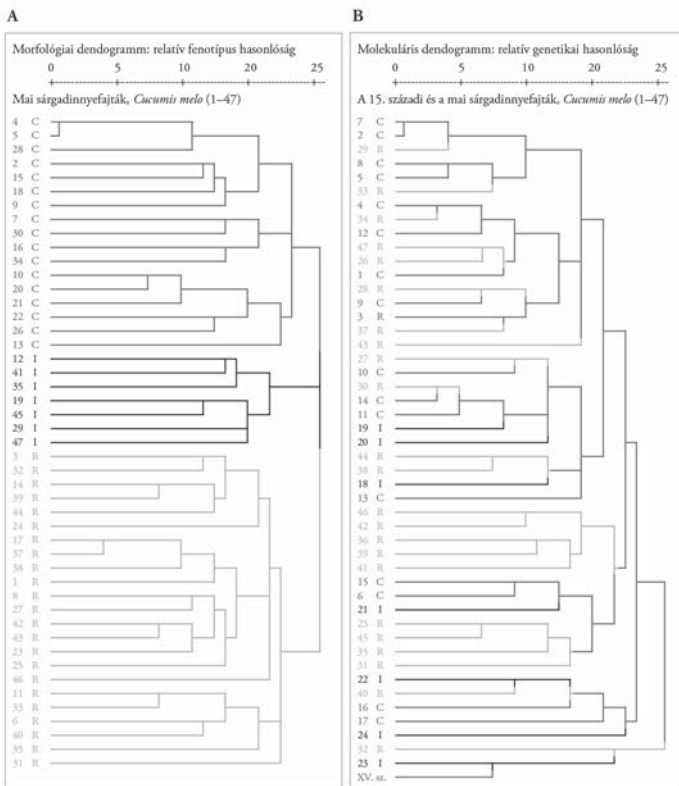
**4.2.** A sárgadinnye (*Cucumis melo*) 15. századból származó mintájának és 47 köztermesztésben lévő fajtájának részletes molekuláris elemzése magába foglalta az SSR (20 lokusz elemzése, 8 lokusz azonosítása [*CmCT*<sub>44</sub>, *CmAG*<sub>59</sub>, *CmGA*<sub>104</sub>, *CmCT*<sub>134</sub>, *CmTA*<sub>134</sub>, *CmCTT*<sub>144</sub>, *CmTC*<sub>168</sub> és *CmCT*<sub>170</sub>], az izolált allélek szekvenciaelemzése) és morfológiai (27 fenotípusos tulajdonság) összehasonlító vizsgálatát (8. ábra). Az eredmények (dendrogramok) bizonyí-



8. ábra. A 15. századi sárgadinnye (*Cucumis melo* L.) genotípus és 47 mai fajta molekuláris összehasonlító vizsgálatának a részlete: 15. századi genotípus és 10 köztermesztésben lévő dinnyefajta 6 SSR-primerrel kapott mintázatai: 1–10: termesztett fajták, 11: 15. századi genotípus, M: molekulastűly marker (100–200 bp)

tották, hogy a 15. századi sárgadinnye legközelebbi rokona a „Hógolyó” fajta (9. ábra), amely alapján megrajzolható volt a középkori sárgadinnye fenotípusa: sima héjú, téli ököldinnye [48, 49].





9. ábra. A 15. századi sárgadinnye (*Cucumis melo* L.) archeogenetikai elemzése és fajtarekonstrukciója 47 mai fajta, 23 fenotípusos tulajdonsága alapján kapott morfológiai dendrogram (A); valamint 8 lokusz, 34 alléljének 485 SSR-szekvenciája alapján kapott molekuláris dendrogram alapján (B). A vizsgált fajták: 1-Pariser market; 2-Sweet ananász; 3-Nyírbonyi (lr.); 4-Javított Zentai; 5-Turai (lr.); 6-Hevesi (lr.); 7-Ezüst ananász; 8-Cantalup de Bellegarde; 9-Short Internode Cantaloupe; 10-Altajszkaja; 11-Plovdivski Banani; 12-Pusztadobosi (lr.); 13-Muskotály; 14-Csárdaszállási (lr.); 15-Topáz; 16-Muskatello cukordinnye; 17-Kiskörösi (lr.); 18-Zimovka Jabloncenaja; 19-Soponyai (lr.); 20-Penyígei (lr.); 21-Túrkevei (lr.); 22-Pionerka; 23-Hógolyó; 24-Afganisztan; 25-Turkesztán; 26-Tarnamériai (lr.); 27-Honey Rock; 28-Hales Best; 29-Limonnoszeltaja; 30-Tétényi csereshéju; 31-Muhi (lr.); 32-Kőszárga; 33-Hegyközi (lr.); 34-Togó; 35-Kisteleki (lr.); 36-Nagyecserkeszi (lr.); 37-Nyírbátori (lr.); 38-Szirmai (lr.); 39-Cantaloup de Paris; 40-Tapi; 41-Fortuna; 42-Kállósejnéi (lr.); 43-Taktaharkányi (lr.); 44-Sárándi (lr.); 45-Desertni-5; 46-Magyar Kincs; 47-Galia

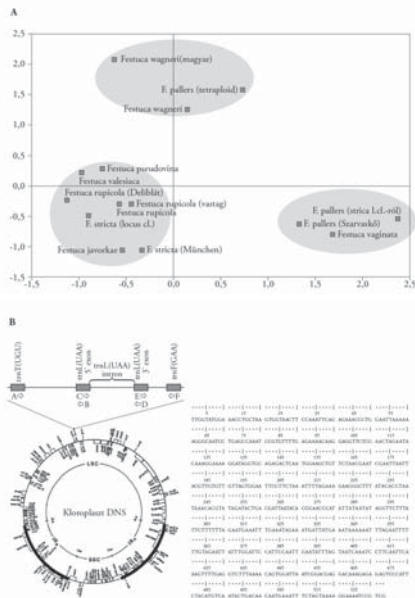
## Molekuláris taxonómia

A *Festuca* nemzetség Kárpát-medencében előforduló *Ovinae* (Hack.) csoportba tartozó fajai (*F. dalmatica*, *F. pseudodalmatica*, *F. wagneri*, *F. vaginata*, *F. valesiaca*, *F. pseudovina*, *F. rupicola*, *F. javorkae*, *F. pallens*, *F. stricta*) különböző morfológiai, citológiai és anatómiai bélyegek alapján nehezen írhatók le, illetve különböztethetők meg egymástól. Ezért az egyes fajok genetikai azonosságának vagy különbözőségének meghatározása céljából – RAPD- és AP-PCR-technika felhasználásával – polimorfizmust adó DNS-markereket kerestünk. A molekuláris összehasonlításokat a filogenetikai kutatásokban leggyakrabban alkalmazott ITS- és kloroplaszt-eredetű *trnL* (UAA) intronszekvenciákkal végeztük el.

Flow citométeres vizsgálattal bizonyítottuk, hogy a Budai-hegységben található *Festuca pallens* faj tetraploid. A RAPD- és AP-PCR-vizsgálatokban a diploid fajhoz képest mutatott nagyfokú genetikai eltérése alapján különálló taxonnak tekinthető. Az *F. javorkae*, bár meglehetősen közel áll az *F. rupicolához*, a PAL<sub>1</sub> primer 800 bp méretű fragmentuma alapján azonban molekulárisan elkülöníthető (10. ábra, A).

Eredményeink szerint a vizsgált többi faj esetében a faji határok sem az ITS-szekvenciáik, sem a kloroplasztisz DNS-intronszekvenciáik (intragenomikus polimorfizmus) alapján nem különíthetők el, ezért azok nem külön fajoknak, hanem nagy valószínűséggel faj alatti taxonoknak tekinthetők (10. ábra, b).

*In silico* kutatás alapján – elkészítettük a *Festuca* nemzetség filogenetikai fáját. Vizsgálatunk megerősítette a széles levelű és keskeny levelű fajok korai különválását. Analízisünk cáfolta viszont egy harmadik főcsoport létét a keskeny levelű fajokon belül. Igazoltuk továbbá a legősibb *Festuca rubra* csoport monofiletikus eredetét [14, 15].



10. ábra. A *Festuca ovina* csoportba tartozó fajok molekuláris taxonómiaja

10/a ábra. A *Festuca ovina* csoportba tartozó 8 faj 14 mintájának kétdimenziós analízise

Az analízishez 14 polimorf és értékelhető mintázatot eredményező primer (8 RAPD és 6 AP-PCR) 111 db fragmentumának bináris kódjai szolgáltattak alapadatként. A legnagyobb genetikai távolságot az *F. stricta* locus classicusáról származó *F. pallens* és az *F. valesiaca* között kaptuk. Az *F. rupicola* morfológiailag eltérő csoportjai viszont 90%-ot meghaladó genetikai azonosságot mutattak. Figyelemre méltó ezzel szemben, hogy a több szerző által azonos fajba sorolt *F. jugoslavica* csak 82–87%-os homológiát mutat az *F. rupicolával*. Szembetűnő még az *F. rupicola* és az *F. valesiaca* közötti 80%-ot meghaladó homológia. A többi faj ennél nagyobb mértékben, 30–50% között tér el egymástól. A fajok 3 olyan csoportba sorolhatóak, ahol csoporton belül a fajok közötti homológia a 70%-ot meghaladja. A Budai-hegység déli lejtőin gyűjtött *F. pallensről* flow citométeres vizsgálattal bizonyítottuk, hogy tetraploid, szemben a Szarvaskő melletti szurdokvölgy alsó részéről begyűjtött alhavasi diploid tövekkel. A diploid *F. pallensből* való nagyfokú genetikai különbözőség alapján a tetraploid *F. pallens* ebben a vizsgálatban különálló taxonnak tekinthető

10/b ábra. A kloroplasztisz DNS trnS inton (trnL UAA) régiójának összehasonlítása 8 *Festuca* faj esetében

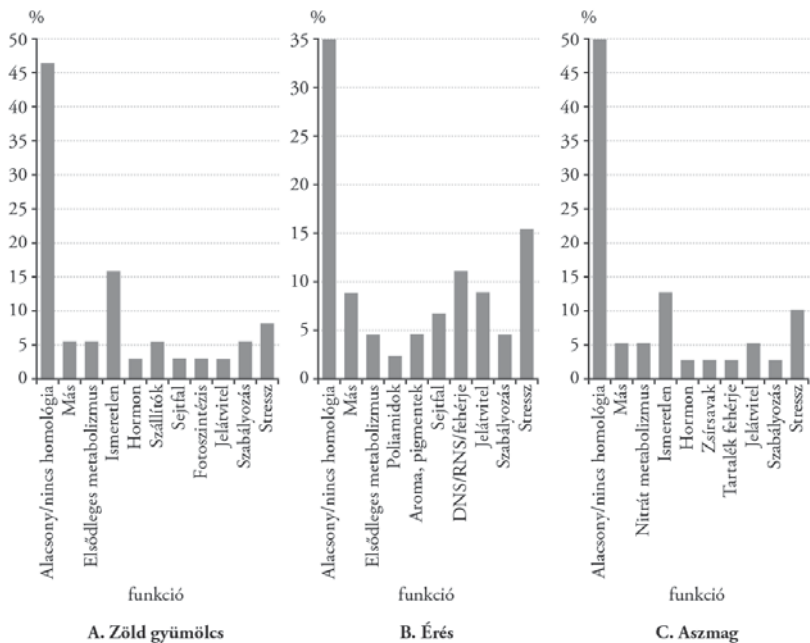
Minden vizsgált *Festuca* faj (*F. jugoslavica*, *F. pallens*, *F. pseudovina*, *F. rupicola*, *F. stricta*, *F. vaginata*, *F. valesiaca*, *F. wagneri*) esetében a szekvenálás egy 533 bp méretű szekvenciát eredményezett, amely nemcsak méretében, de nukleotidsorrendjében is megegyezett

## Genomanalízis

A szamóca nem klimakterikus faj. Feltételezések szerint az etilénnek nincs szerepe a gyümölcsének érésében. Abból a célból, hogy megismerjük az etilén bioszintézisben részt vevő géneinek funkcióját és szerepét a szamóca érésében, cDNS-AFLP-technikával érésspecifikus géneket izoláltunk. Összesen 270 cDNS-fragmentum expressziós mintázata mutatott szignifikáns különbséget, egyrészt a különböző érési stádiumra, másrészt a szövettípusra. Cluster-programmal végzett hierarchikus osztályozással a cDNS-fragmentumok 3 csoportba rendeződtek: az aszmagban, a zöld gyümölcshúsban és az érésben expresszálódó gének csoportjába. A gének funkcionális jellemzése céljából 90 cDNS-fragmentumot azonosítottunk, amelyek egy része az érés folyamatának már ismert kulcsgéneit reprezentálják. A szekvenált cDNS-ek másik nagy csoportját az aszmagban expresszálódók jelentik, amelyek tartalék-, allergén és stresszfehérjéket (heat-shock) kódolnak (II. ábra).

Az 50 érésspecifikus fragmentum közül 7 esetében izoláltuk a teljes hosszúságú cDNS-t. Ezek közé tartozik egy RING-fingert kódoló cDNS-AFLP-fragmentum, amelynek a transzkripciója az érés során gátlódik. A RING-domén típusa miatt a tanulmányozott szamócegént *FaRH2-1*-nek neveztük el. A *FaRH2-1* promóterét, a többi 5 eddig izolált promóterrégióhoz hasonlóan TAIL-PCR-módszerrel azonosítottuk.

A zöld receptákulumban expresszálódó gének közül a *RING finger* mellett még két gén promóterrégióját határoztuk meg. Az első egy aquaporinfehérjét (*PiP*-plasma membrane intrinsic protein) kódol, amely a növény homeosztázisának fenntartásában működik. A második gén szerepét még nem sikerült tisztáznunk, mert a legnagyobb homológiát ismeretlen funkciójú fehérjék génjeivel mutatja. Az etilénbioszintézisben szerepet játszó ACC-szintáz, ACC-oxidáz és CTR<sub>1</sub> egy-egy tagjának izolálása (*Fa-ACS*, *Fa-ACO*,



11. ábra. Szamóca-genomanalízis. cDNS-AFLP-vel kapott 1403 fragmentum között 290 differenciáltan expresszálódó TDF-t azonosítottunk. Ezek hierarchikus klaszterelemzéssel 3 nagy funkcionális csoportba tömörültek. A: zöld gyümölcsben expresszálódó 86 TDF; B: az érés során expresszálódó 84 TDF; C: aszmagspecifikus 130 TDF funkcionális csoportosítása

*Fa-CTR1*) RT-PCR-módszerrel történt. E három gén promóterét is azonosítottuk [1, 2, 3].

**6/2.** A DNS metilációs mintázata változásának nagy szerepe lehet a génműködés hosszú távú regulációján keresztül az ontogenezis szabályozásában. A növényi ontogenezis *in vitro* indukálható alternatív újtai kiváló objektumként szolgálhatnak a metiláció tényleges szerepének a tisztázására. Célunk ezért a tojásgyümölcs *in vitro* indukált eltérő morfogenezise folyamatában (szomatikus embriógenézis, organogenezis), a gének metilációjában bekövet-

kező változások megismerése volt. A génexpressziós változások molekuláris (metilációs RFLP-analízis, Differential Display, Northern-hibridizáció) vizsgálatai során megállapítottuk, hogy a transzgén-inaktiváció megjelenési ideje és mértéke kópiaszámfüggő, a fiatal sejtekben a transzgén-inaktiváció átmenetileg megszűnik. Izoszkizomer restrikciós endonukleázpárokkal elvégzett RFLP-analízisünk alapján csak kis különbséget tudtunk kimutatni a DNS-metiláltságában a szomatikus embriógenezis és az organogenezis között [6, 7].

## 2. TRANSZGÉNIKUS NÖVÉNYNEMESÍTÉS

### Transzgénikus szűrkenyár

Az antioxidáns hatású redukált glutationnak (GSH) fontos szerepe van a növények abiotikus stresszrezisztenciájában, különös tekintettel a sejtek méregtelenítési mechanizmusára, amelynek központi molekulája. A GSH-bioszintézis kulcsenzime a  $\gamma$ -glutamil-cisztein-szintáz (ECS). Ezért különös jelentőséggel bírnak az *Escherichia coli* baktériumból klónozott – a szóban forgó enzimet kódoló – *gsr1* génnel transzformált transzgénikus szűrkenyárváltozatok, amelyek közül a „cyt-ECS” klónokban a transzgén a citoszolban, míg a „chl-ECS” klónokban a kloroplasztisban mutat megnövekedett expressziót (Noctor et al. 1998, *Plant Physiol.* 118, 141–148). Kísérleteink célja a *gsr1*-transzgénikus szűrkenyár (*Populus × canescens*) *in vitro* fitoremediációs aktivitásának elemzése volt, a későbbi *in situ* kísérletek megalapozására.

A transzformáns szűrkenyárklónok (*Populus × canescens*) a glutation-S-transzferáz (GST) túltermelésén alapuló fitoextrakciós aktivitását *in vitro nehézfém- és paraquatstresszben* sikerült igazolnunk [4, 17, 19].

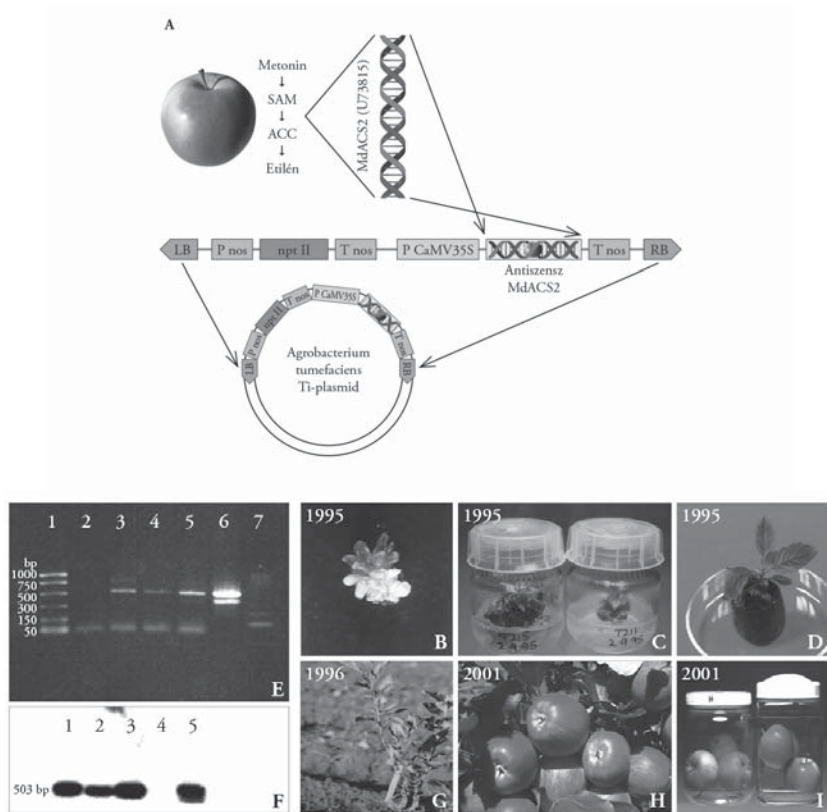
### Az alma molekuláris transzformációja

Az etilénnek meghatározó szerepe van a klimakterikus növények – többek között az alma – termésének érésében. Hrazdina Gézával (Cornell University,

USA) együttműködve ezért célunk olyan etiléntermelésben gátolt almavonalak előállítására volt, amelyek gyümölcssei hosszabb ideig tárolhatók minőségi romlás nélkül. Az etilén-bioszintézis két lépését az ACC-szintáz és ACC-oxidáz katalizálja. Érésspecifikus *ACC-szintáz*-gént (*MdACS2/U73815*) sikerült McIntosh almafajtából izolálni (Kiss E.), amely antiszensz orientációban bináris vektorba lett beépítve. A konstrukcióval Royal Gala (98 transzgénikus vonal) és McIntosh (56 transzgénikus vonal) almafajtákat transzformáltunk, amelyek 2001-re már megfelelő mennyiségű gyümölcsöt is produkáltak a különböző érési paraméterek vizsgálatához (12. ábra). A termőre fordult transzgénikus almafák gyümölcsében bizonyítható volt az etilén-bioszintézis molekuláris gátlása, továbbá a *MdACS2* gén érésspecifikus expressziója (13. ábra). A Cornell Egyetem kísérleti terén termelt transzgénikus gyümölcsök a kontrollhoz képest szobahőmérsékleten 1–2 hónappal hosszabb ideig voltak tárolhatók minőségromlás nélkül, ezért a transzgénikus gyümölcsök hosszán tartó tárolásához valószínűleg nem lesz szükség a hűtőtárolók oxigén-, szén-dioxid- és páratartalmának szabályozására [12, 16].

## A szegfű molekuláris transzformációja

Az előbbieken már bemutatott, az etilén-bioszintézis egyik kulcsenzimének az 1-aminociklopropán-1-karboxilát-szintáz – általunk izolált – cDNS-ének antiszensz-génjével több hazai szegfűfajtát transzformáltunk. Célunk az etiléntermelés gátlásával a virágok vázaélettartamának meghosszabbítása volt. A transzgénikus szegfűvonalak többéves üvegházi termesztési vizsgálatainak eredményei bizonyították, hogy a transzgénikus növények virágzási fázisa két héttel korábban kezdődött, száruk törékenysége szignifikánsan csökkent, és a vázaélettartamuk néhány nappal növekedett [38, 39, 57, 58].

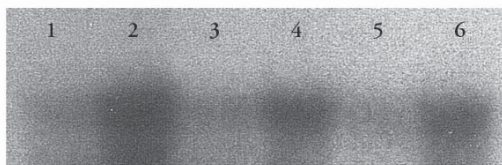
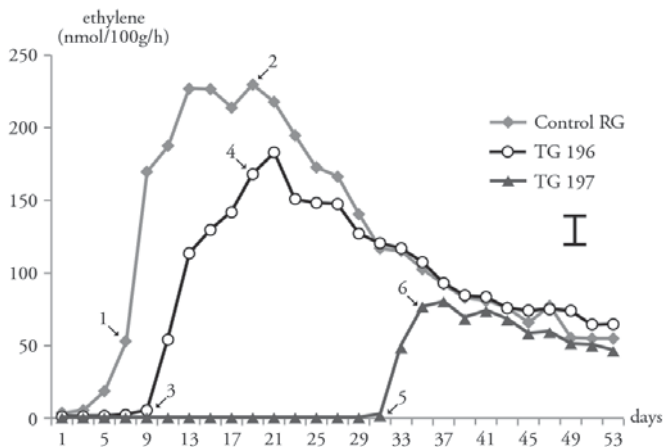


12. ábra. Etilén-bioszintézisben gátolt transzgénikus alma előállítása géntechnológiai úton

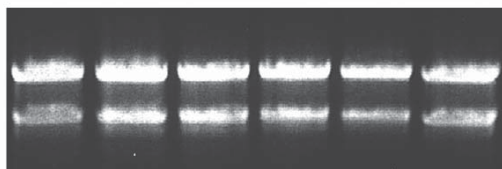
**A:** etilén-bioszintézis három fő lépése metioninból (SAM = s-adenozil-metionin, ACC = amino-ciklopropán-karboxilát), MdACS2= almából izolált ACC-szintáz-enzim cDNS-e, amely antiszensz orientációban került beépítésre egy bináris vektorba (LB és RB = jobb és bal oldali határszekvenciák, Pnos = nopalinszintáz-promóter, nptII. = antibiotikumrezisztencia-gén, Tnos = nopalinszintáz-terminátor, CaMV35S = karfiol-mozzaikvíruspromóter, MdACS2 alma ACC-szintáz-gén), majd klónoztát követően az *Agrobacterium tumefaciens* baktérium Ti-plazmidjába. A kiméra *Agrobacterium*mal végzett közvetett géntranszfert követően a kanamicint tartalmazó szelektációs táptalajon túlélő zöld növény **(B)** regeneránsokból felnevelt növényekben **(C, D)** a transzgén integrációját polimeráz-láncreakció **(E)** és Southern hibridizáció **(F)** is bizonyította. A transzgénikus almacsemeték kiültetése ültetvénybe 1996-ban az USA-ban **(G)**, termőre fordulása 2001-ben **(H)** és betakarítást követő tárolási **(I)** vizsgálat 2002-ben



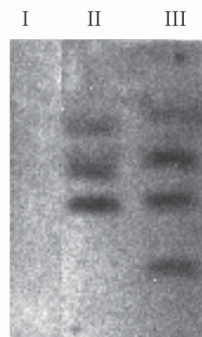
A



B



C



D

13. ábra. A transzgénikus és kontrollalmfákon termett gyümölcsök etiléntermelése szobahőmérsékleten. (a): A jelölt pontokon (1–6) történt mintavétel RNS-izoláláshoz. A TG 197-es transzgénikus fa gyümölcsében az etiléntermelés 1 hónappal később indult el, és mennyisége a kontroll 1/3-a volt. (b): Az MdACS2 gén expressziója.  $^{32}$ P izotóppal jelölt MdACS2 (U73815) cDNS-próbával hibridizáltunk 15  $\mu$ g total RNS-t. Az 1–6 számok jelentik az (a) ábrán jelölt mintavételi pontokat. (c): rRNS loading kontroll. (d): A beépült transzgén kópiaszámának vizsgálata. A kontroll (I), TG 196 (II) és TG 197 (III) vonalakból izolált DNS, jelölt CaMV 35S promóter és MdACS2 fragmentummal hibridizált autoradiográfias képe

### 3. A NÖVÉNYBIOTECHNOLÓGUS ÉS A MOLEKULÁRIS NÖVÉNYNEMESÍTŐ KÉPZÉS INDÍTÁSA HAZÁNKBAN

A géntechnológia molekuláris eszköztára végül is az emberiség kezébe adta azt a lehetőséget, hogy a termesztett növényfajokat olyan tulajdonságokkal ruházza fel, velük olyan anyagokat termeltesen, amelyek az adott fajban az evolúció során nem alakulhattak ki, vagy nem az ember által kívánt mennyiségben és minőségben. E lehetőség gazdasági kiaknázása céljából a világon az elmúlt évtizedben géntechnológiai verseny alakult ki a transzgénikus növényfajták 21. században várható piacainak megszerzéséért. E verseny a globalizáció jegyében zajlik, amelynek során eddig nem ismert méretű tőkekoncentráció jött és jön létre a vetőmagiparban. E folyamat annyiban különbözik az eddigi fejlődéstől, hogy azoknak az országoknak, amelyek mind a tudományban, mind a fejlesztésben és az alkalmazásban most lemaradnak, minimálisra csökkennek az esélyeik arra, hogy később felzárkózhassanak.

A hazai vetőmagipar versenyképességének a fenntartása elképzelhetetlen speciálisan képzett szakemberek nélkül. Biotechnológiai, genetikai és molekuláris biológiai ismeretekkel rendelkező agrárszakemberek biztosítása érdekében a Szent István Egyetem Genetika és Növénynemesítés Tanszékén indítottam el 1992-ben a *növénygenetikus*, majd 1999-től a *biotechnológus és növénynemesítő* nappali szakirányú képzést, amelyen 2005-ig 97 hallgató végzett. Ezt a célt szolgálta továbbá az 1993-ban alapított *Növénynemesítés genetikai és biotechnológia módszerekkel* című akkreditált tanszéki PhD-programunk is, ahol napjainkig 24 doktorandusz védett sikerrel.

A graduális és posztgraduális oktatások tudományos háttérét az irányítással működő OTKA Tudományos Iskola (2001–2004), valamint az MTA–SZIE Molekuláris Növénynemesítési Kutatócsoport (2003–) biztosították.

A magyarországi növénynemesítési oktatás és kutatás fejlesztése érdekében a növényi biotechnológiával és géntechnológiával kapcsolatos tudományos és gyakorlati ismereteket társszerzőkkel írt könyveimben [5, 8, 9] és számos népszerűsítő publikációmban [5, 24, 30, 31, 32, 33, 34] foglaltam össze. A könyvekben [5, 8, 9] megtalálhatók mindazon ismeretek, amelyek szükségesek ahhoz, hogy hazánkban elindulhasson a nemzetközi színvonalú növénybiotechnológusi MSc-képzés. A szakcikk [24, 30, 31, 32, 33, 34] lehetővé teszi, hogy a magyar növénynemesítők megismerjék azokat a módszereket, technikákat, problémákat, amelyek a transzgénikus (molekuláris) növénynemesítésre való áttérést elősegítik, illetve annak gyakorlati megvalósítása során felmerülhetnek.

A hazai növénynemesítési tudományok kutatási eredményeinek bemutatása és a magyar növénynemesítők szakmai összefogásának elősegítése érdekében az MTA Növénynemesítési Bizottság elnökeként indítottam el a Növénynemesítési Tudományos Napokat 1994-ben, amely azóta hagyományná vált, és minden év valamelyik első hónapjában rendezzük meg a Magyar Tudományos Akadémián.

## KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Ezúton köszönöm Kiss Erzsébet, Gyulai Gábor, Kiss József, Mázikné Tőkei Katalin, Galli Zsolt tanszéki kollégák, Bucherna Nándor, Törjék Ottó, Szabó Zoltán, Veres Anikó, Bitsánszky András, Balogh Andrea sikerrel védett doktoranduszok, Koncz Tímea, Tisza Viktória, Lágler Richárd, Halász Gábor jelenlegi PhD-hallgatók és Füle Lóránt, Szőke Antal predoktorok, valamint Bellusné Daniek Ágnes, Katona Melinda tanszéki munkatársak, Bakos Györgyné, Ádám Zoltánné, Ócsai Sándorné asszisztensek segítségét, akiknek lelkes és odaadó munkája jelentősen hozzájárult a fentiekben ismertetett eredmények eléréséhez.

# IRODALOM (1998-TÓL)

1. Balogh, A. – Koncz, T. – Tisza, V. – Kiss, E. – Heszky, L. 2005. The effect of 1-MCP on the expression of several ripening-related genes in strawberries. *HortScience* 40 (7), 2088–2090.
2. Balogh, A. – Koncz, T. – Tisza, V. – Kiss, E. – Heszky, L. 2005. Identification of ripening-related genes in strawberry fruit by cDNA-AFLP. *International Journal of Horticultural Science* 11 (4), 33–41.
3. Balogh A. – Koncz T. – Tisza V. – Kiss E. – Heszky L. 2005. A szamóca gyümölcsfejlődésében és érésében szerepet játszó gének és promótereik izolálása. *Kertgazdaság* (különszám); 105–110.
4. Bittsánszky, A. – Kőmíves, T. – Gullner, G. – Gyulai, G. – Kiss, J. – Heszky, L. – Radimszky, L. – Heinz, R. 2004. Ability of transgenic poplars with elevated glutathione content to tolerate zinc(2+) stress. *Environment International* 31 (2), 251–254.
5. Bódis L. – Heszky L. – Matók Gy. (szerk.) 2004. *Géntechnológia és termézbiztonság*. OMMI, Budapest, 164.
6. Bucherna, N. – Szabó, E. – Heszky, L. – Nagy I. 2001. DNA methylation and gene expression differences during alternative in vitro morphogenetic processes in eggplant (*Solanum melongena* L.). *In vitro Cellular and Developmental Biology – Plant* 37, 672–677.
7. Bucherna N. – Homoki H. – Törjék O. – Kiss E. – Heszky L. 2001. Az ivar genetikája kétlaki növényekben. *Növénytermelés* 50, 359–366
8. Dudits D. – Heszky L. 1990. *Növénybiotechnológia*. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest, 310.
9. Dudits D. – Heszky L. 2000. *Növényi biotechnológia és géntechnológia*. Agroinform Kiadó, Budapest, 312. (Második, átdolgozott, bővített kiadás, 2003.)
10. Füle, L. – Hódos-Kotvics, G. – Galli, Z. – Ács, E. – Heszky, L. 2005. Grain quality and baking value of perennial rye (cv. 'Perenne') of interspecific origin (*Secale cereale* × *S. montanum*). *Cereal Research Communications* 33 (4), 809–816.
11. Galli, Z. – Halász, G. – Kiss, E. – Heszky, L. – Dobránszki J. 2005. Molecular identification of commercial apple cultivars with microsatellite markers. *HortScience* 40 (7), 1974–1977.
12. Galli, Z. – Kiss, E. – Hrazdina, G. – Heszky, L. 2003. The effects of ACS (1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase) gene down regulation on ethylene production and fruit softening in transgenic apple. *International Journal of Horticultural Science* 9, 65–70.
13. Galli, Z. – Halász, G. – Kiss, E. – Dobránszki, J. – Heszky, L. 2005. Molecular fingerprinting of commercial apple cultivars. *Hungarian Agricultural Research* 14 (3), 4–9.
14. Galli, Z. – Penksza, K. – Kiss, E. – Sági, L. – Heszky, L. 2006. Low variability of internal transcribed spacer rDNA and trnL (UAA) intron sequences of several taxa in the *Festuca ovina* aggregate (*Poaceae*). *Acta Biologica Hungarica* 57 (1), 57–69.
15. Galli Z. – Penksza K. – Kiss E. – Bucherna N. – Heszky L. 2001. *Festuca* fajok molekuláris taxonómiai vizsgálata: a *F. ovina* csoport RAPD és AP-PCR analízise. *Növénytermelés* 50, 375–384.

16. Galli Z. – Debreceni D. – Kiss E. – Heszký L. 2001. Az alma sikeres transzformációját befolyásoló tényezők. *Kertgazdaság* 33 (2), 23–32.
17. Gullner, G. – Gyulai, G. – Bittsánszky, A. – Kiss, J. – Heszký, L. – Kőmíves T. 2005. Enhanced inducibility of glutathione S-transferase activity by paraquat in poplar leaf discs in the presence of sucrose. *Phyton* 45 (3), 39–44.
18. Gyulai, G. – Gémesné, J. A. – Sági, Zs. – Venczel, G. – Pintér, P. – Kristóf, Z. – Törjék, O. – Heszký, L. – Bottka, S. – Kiss, J. – Zatykó L. 2000. Doubled haploid development and PCR-analysis of F<sub>1</sub> hybrid derived DH-R<sub>2</sub> paprika (*Capsicum annuum* L.) lines. *Journal of Plant Physiology* 156, 168–174.
19. Gyulai, G. – Humphreys, M. – Bittsánszky, A. – Skot, K. – Kiss, J. – Skot, L. – Gullner, G. – Heywood, S. – Szabó, Z. – Lovatt, A. – Radimszky, L. – Roderick, H. – Abberton, M. – Rennenberg, H. – Kőmíves, T. – Heszký, L. 2005. AFLP analysis and improved phyto-extraction capacity of transgenic gshI-poplar clones (*Populus × canescens* L.) for copper in vitro. *Zeitschrift für Naturforschung* 60 (3/4), 300–306.
20. Gyulai G. – Kiss E. – Heszký L. 2004. Az árpa biotechnológiája. In: Tomcsányi A. – Turcsányi G. (szerk.) *Magyarország Kultúrflórája* VIII/14. Az árpa – *Hordeum* L. Akadémiai Kiadó, Budapest, 274–289.
21. Halász, G. – Veres, A. – Kozma, P. – Kiss, E. – Balogh, A. – Galli, Z. – Szőke, A. – Hoffmann S. – Heszký, L. 2005. Microsatellite fingerprinting of grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties of the Carpathian Basin. *Vitis* 44 (4), 173–180.
22. Halász G. – Kozma P. – Molnár S. – Veres A. – Hoffmann S. – Galbács Zs. – Kiss E. – Heszký L. 2005. Szőlőhibridek elemzése rezisztenciagénekhez kapcsolt molekuláris markerekkel. *Kertgazdaság* (különszám), 127–132.
23. Heszký L. – Fésüs L. – Hornok L. (szerk.) 2005. Mezőgazdasági Biotechnológia. Agroinform Kiadó, Budapest, 366.
24. Heszký L. 2000. A kultúrnövény tudományok helyzete és fejlesztésének feladatai Magyarországon. *Növénytermelés* 49 (4), 455–461.
25. Heszký L. – Bódis L. – Kiss E. 1999. A kultúrflóra biodiverzitása Magyarországon. *Növénytermelés* 48 (4), 435–443.
26. Heszký, L. – Bódis, L. – Kiss, E. 2000. Plant genetic diversity in the Hungarian agriculture. *Hungarian Agricultural Research* 9, 20–23.
27. Heszký L. – Holly L. – Bódis L. 2002. A magyar növényi génkészlet jelentősége hazánkban: I. A növényi génbank gyűjteményének fejlesztése és felhasználása (1979–2000). *Növénytermelés* 51 (1), 133–137.
28. Heszký L. – Holly L. – Bódis L. 2002. A magyar növényi génkészlet jelentősége. II: A magyar származású genetikai tartalékok felhasználása a hazai növénynemesítésben (1998–2000). *Növénytermelés* 51 (2), 247–252.
29. Heszký L. – Holly L. – Bódis L. 2002. A magyar növényi génkészlet jelentősége Magyarországon. III. A magyar eredetű és nemesítésű fajták elterjedése a köztermesztésben (1950–2000). *Növénytermelés* 51 (3), 353–358.

30. Heszy L. 1998. A növényi biotechnológia. *Agro-21* 5, 37–55.
31. Heszy L. 1999. A magyar növénynevelés jövője és a géntechnológia. *Mag* 13, 9–11.
32. Heszy L. 1999. A növényi géntechnológia elmélete és gyakorlata. *Vetőmag* 6, 3–5.
33. Heszy L. 2000. A növényi géntechnológia várható hatása a növénytermesztési technológiákra. *Mag* 14, 5–9.
34. Heszy L. 2002. Gyakorlati tanácsok a GM fajták nevelőinek. *Mag* 16, 9–20.
35. Heszy L. 1999. Heszy László MTA lev. tagja. MTA Agrártudományok Osztálya akadémikusainak pályatükre. In: Kovács F. (szerk.): *MTA Agrártudományok Osztálya 50 éve (1949–1999)*. Agroiinform Kiadó, Budapest, 646–654.
36. Jekkel, Z.–Kiss, J.–Gyulai, G.–Kiss, E.–Heszy, L. 2002. Cryopreservation of Horse Chestnut (*Aesculus hippocastanum* L.). In: L. E. Towill (ed.): *Biotechnology in Agriculture and Forestry, Cryopreservation of Plant Germplasm* I., Springer Verlag, Berlin–New York, Vol. 50, 199–212.
37. Kiss, E.–Balogh, A.–Kozma, P.–Koncz, T.–Galli, Z.–Heszy, L. 2003. Molecular analysis of grapevine cultivars indigenous in the Carpathian Basin. *Acta Horticulturae* 603/1, 95–102.
38. Kiss, E.–Veres, A.–Galli, Z.–Nagy, N.–Tóth, E.–Varga, Á.–Hrazdina, G.–Heszy, L. 2000. Production of transgenic carnation with antisense ACS (1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase) gene. *International Journal of Horticultural Science* 6, 103–107.
39. Kiss, E.–Veres, A.–Varga, Á.–Galli, Z.–Nagy, N.–Heszy, L.–Tóth, E.–Hrazdina, G. 2000. Transformation of Carnation: Agrobacterium-mediated Transformation of Carnation with Antisense 1-aminocyclopropane-1-carboxylate Synthase (ACS) Gene. In: G. Hrazdina (ed.): *Use of Agriculturally Important Genes in Biotechnology*, IOS Press (NATO Science Series) Amsterdam, Berlin, Oxford, Tokyo, Washington D. C, 91–97.
40. Kiss E.–Gyulai G.–Heszy L. 2004. Az árpa genetikája. In: Tomcsányi A.–Turcsányi G. (szerk.): *Az árpa – Hordeum L., Magyarország Kultúrflórája*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 256–273.
41. Kiss, J.–Kondrák, M.–Törjék, O.–Kiss, E.–Gyulai, G.–Mázik-Tőkei, K.–Heszy, L. 2001. Morphological and RAPD analysis of poplar trees of anther culture origin. *Euphytica* 118, 213–221.
42. Kotvics, G.–Krisztián, J.–Heszy, L. 2001. Perennial Rye: a new forage crop for the world, registered in Hungary. *Hungarian Agricultural Research* 10, 4–6.
43. Kozma, P.–Balogh, A.–Kiss, E.–Galli, Z.–Koncz, T.–Heszy, L. 2003. Study of origin of cultivar ‘Csaba Gyöngye’, *Acta Horticulturae* 603/2, 585–591.
44. Kozma, P.–Kiss, E.–Veres, A.–Halász, G.–Balogh, A.–Szőke, A.–Galli, Z.–Heszy, L. 2004. Microsatellite fingerprinting in old grapevine cultivars of the Carpathian basin. *Hungarian Agricultural Research* 13, 14–16.
45. Lágler, R.–Gyulai, G.–Humphreys, M.–Szabó, Z.–Horváth, L.–Bittsánszky, A.–Kiss, J.–Holly, L.–Heszy, L. 2005. Morphological and molecular analysis of common millet (*P. miliaceum*) cultivars compared to an aDNA sample from the 15th century (Hungary). *Euphytica* 146, 77–85.

46. Mázikné Tőkei K. – Heszky L. 1999. A tippanfajok citogenetikája. In: Priszter Sz. – Jeanplong J. (szerk.): *A tippan. Magyarország kultúr flórája*. Akadémia Kiadó, Budapest, 37–50.
47. Purnhauser, L. – Gyulai, G. – Tar, M. – Csősz, M. – Mesterházy, A. – Heszky, L. 2000. Use of Molecular Markers in Wheat Breeding for Disease Resistance. In: G. Hrazdina (ed.): *Use of Agriculturally Important Genes in Biotechnology*, IOS Press (NATO Science Series) Amsterdam, Berlin, Oxford, Tokyo, Washington, D.C., 52–57.
48. Szabó, Z. – Gyulai, G. – Humphreys, M. – Horváth, L. – Bittsánszky, A. – Lágler, R. – Heszky, L. 2005. Genetic variation of melon (*C. melo*) compared to an extinct landrace from the Middle Ages (Hungary) I. rDNA, SSR and SNP analysis of 47 cultivars. *Euphytica* 146, 87–94.
49. Szabó, Z. – Gyulai, G. – Horváth, L. – Bittsánszky, A. – Szani, Sz. – Lágler, R. – Kiss, J. – Gyulai, F. – Holly, L. – Heszky L. 2005. Genetic diversity of Hungarian melon landraces (*C. melo*) compared to an extinct sample from the Middle Ages. *Hungarian Agricultural Research* 14/2, 18–22.
50. Szőke A. – Kiss E. – Milotay P. – Szabó-Hévér Á. – Heszky L. 2005. Molekuláris markerek alkalmazása a paradicsom fonálféreg-rezisztencia nemesítésben. *Kertgazdaság* 37 (3), 14–22.
51. Törjék, O. – Bucherna, N. – Kiss, E. – Homoki, H. – Finta-Korpelová, Z. – Bócsa, I. – Nagy, I. – Heszky L. 2002. Novel male specific molecular markers (MADC<sub>5</sub>, MADC<sub>6</sub>) for sex identification in hemp. *Euphytica* 127, 209–218.
52. Törjék, O. – Kiss, E. – Mázik-T., K. – Hutvágner, G. – Silhavy, D. – Bánfalvy, Zs. – Kertész, Z. – Pauk, J. – Heszky, L. 2000. Comparative molecular analysis of winter wheat cultivars and their doubled haploid derivatives. *Cereal Research Communications* 29, 41–48.
53. Törjék, O. – Kiss, E. – Kiss, J. – Kondrák, M. – Gyulai, G. – Heszky, L. 2001. Evaluation of genetic diversity of poplar genotypes by RAPD and AP-PCR analysis. *Acta Biologica* 52, 345–354.
54. Törjék O. – Kiss E. – Bucherna N. – Homoki H. – Finta-Korpelova, Zs. – Bócsa I. – Nagy I. – Heszky L. 2002. Ivarspecifikus molekuláris markerek azonosítása és vizsgálata kenderben. *Növénytermelés* 51 (6), 639–655.
55. Törjék O. – Kiss E. – Mázikné Tőkei K. – Hutvágner Gy. – Silhavy D. – Bánfalvi Zs. – Kertész Z. – Pauk J. – Heszky L. 2002. Hagyományos és DH (Doubled Haploid) búzafajták, valamint DH vonalaik homogenitásának molekuláris elemzése. *Növénytermelés* 51 (1), 7–20.
56. Veres, A. – Balogh, A. – Kiss, E. – Szőke, A. – Heszky, L. – Kozma, P. – Kocsis, M. – Galli, Z. 2004. Characterization of grapevine cultivars autochthonous in the Carpathian Basin with microsatellites. *Acta Horticulturae* 652, 467–470.
57. Veres A. – Kiss E. – Tóth Á. – Tóth E. – Heszky L. 2005. Az etiléntermelés gátlásának hatása a szegfű (*Dianthus caryophyllus*) néhány gazdaságilag fontos tulajdonságára. *Kertgazdaság* 37 (3), 14–22.
58. Veres, A. – Kiss, E. – Tóth, E. – Tóth, Á. – Heszky, L. 2005. Down-regulation of ethylene production in carnation (*Dianthus caryophyllus* L.) by an apple derived ACC-cDNA. *International Journal of Horticultural Science* 11 (1), 101–104.









Erly Janos  
Dobrádichy József

Wenzel Gustav

Wenke  
Fabian  
Gibson  
Fano

Fabian  
Nagy

Teljesítő nagygyűlés! Nagy Sámuel  
D. Pólya Péter

Polka Riedl  
aus 2201:

Terintetes vagy gyanu  
 Minden ujjonnan választott tag, a külsőt kivétel-  
 nélkül, osztályába tartozó dolgotat felolvasásá-  
 val, személyes megismerés érdekében be-  
 választása megszűnő alatt szület; külsőben meg-  
 lehetett esetek, melyekben kivált vidéken  
 tartatását, amennyi

egy keményes meg  
ével, legfeljebb egy év alatt töröl-  
választása megsemmisítően:  
Lehetnek esetek, melyekben kivált vidéken la-  
tóz gátolhatnák a határidőt megtartani: de hallga-  
tag elvéni e szabály meg nem tartatását, amellyel  
tesz, mint örvös szabályzatunkat erőltetve tekintet-  
et következni egyelőre figyelmeztetjük a T. Aradinni  
Indoklásnyba hozatik tehát, hogy egyelőre a  
tölt s szőlőfoglalás által meg nem  
hát kitöröltessék, az 186

Indoklásnyba hozatik tehát, hogy egyelőre az  
szélfogalás által meg nem

Terintetes  
málló szabályainak 32. §-a egy szót:  
dijonnan választott tag, a hűlőbe kivétel  
tályaiba tartozó dolgotat felolvasását,  
teljes megnevezésükre és ezen beiktatás  
felelt egy év alatt szót foglat; hűlőben meg  
a megnevezésükön.

Lehetek ezek, melyekben hívott vidéken la  
toltatnak a határokat megtartani: de hallgat  
szerint a szabály megnevezés tartatását, amíg  
mint önszabályzatokat erőltetnek beiktat  
szabályzatokhoz figyelembe kellia J. Aladai  
szépségtelen.

Judikációba hozakirtek, hogy egyelőre a  
1861 választott szót foglatás által meg nem  
tárgyalva nem a hűlőből hűlőre kerül, az 1861  
1861 választott a szabályokra emelteknek, jö  
re pedig a titolnoki hivatal oda utasítottak, hogy  
vidékiában tartás végett az újban választottakat,  
míg szót nem foglatat, a sorozatba fel ne vegye.

jan. 26. 1865.  
Zalaj Mór  
Lajos János  
Hollán Ernő

853  
1865  
Kemény László  
Könyves László  
Johann Frank  
György János

